AMEA-nın Xəbərləri (biologiya və tibb elmləri), cild 67, №2, səh. 5-12 (2012)

Определение Гена Устойчивости К Бурой Листовой Ржавчине (Lr19) у Генотипов Пшеницы (*Triticum aestivum* L.) С Использованием SCAR-Маркеров

И.М. Гусейнова, Ф.Б. Гулиева, С.М. Рустамова, Д.А. Алиев
Институт ботаники НАН Азербайджана, Бадамдарское шоссе, 40, Баку AZ 1073, Азербайджан; E-mail: aliyev-j@botany-az.org

С использованием SCAR-маркеров, ассоциированных с геном устойчивости к бурой листовой ржавчине Lr19, был проведен скрининг 61 сортов мягкой пшеницы, собранных в Генбанке Научно-исследовательского института земледелия. В результате ПЦР анализа с применением маркера SCS123 локус в области 737 bp был выявлен у 48 генотипов. При использовании маркера SCS 253 ожидаемый фрагмент в области 688 bp был выявлен только у 53 генотипов. Результаты, полученные с обоими маркерами, указывают на то, что у 45 генотипов на 7D хромосомах присутствует ген Lr19. Только у 5 генотипов из использованного 61 образца пшеницы существование гена Lr19 не было доказано.
Ключевые слова: *пшеница, бурая листовая ржавчина, ген Lr19, SCAR- маркеры, ПЦР анализ*

ВВЕДЕНИЕ

Пшеница – наиболее возделываемая зерновая культура, дающая почти 30% мирового производства зерна и снабжающая продовольствием более половины населения земного шара. В Азербайджане пшеница является стратегически важной культурой для обеспечения потребности населения страны продовольственными продуктами. Поэтому она ежегодно возделывается в различных регионах республики на площади более 580 тысяч гектаров. Основные факторы, лимитирующие урожай зерна яровой мягкой пшеницы в Азербайджане, являются грибные, бактериальные и вирусные болезни. Одним из распространенных и вредоносных заболеваний зерновых культур является бурая листовая ржавчина, вызываемая базидиальным грибом *Puccinia recondite* f. sp. *tritici* (Singh et al., 2000; Oelke & Kolmer, 2004; Mebrate et al., 2008). В зависимости от выраженности и продолжительности инфекции, потери урожая могут достигать 40-50% (McIntosh et al., 1995). Бурая листовая ржавчина до настоящего времени остается наиболее вредоносной болезнью пшеницы во всем мире, несмотря на процесс, достигнутый в изучении природы устойчивости растений, структуры и изменчивости популяции патогена и успехи практической селекции на устойчивость. В интегральной системе защиты сельскохозяйственных растений от этих болезней генетический метод, т.е. создание невосприимчивых к инфекции сортов, наиболее экономически выгоден, экологически безопасен и поэтому, весьма актуален (Marasas et al., 2003; Woxniak-Strzembicka, 2003).

Изучение генетических основ устойчивости растений, поиск эффективных генов и их введение в культуру мягкой пшеницы позволяет существенно предотвратить распространение эпифитотии данного заболевания и стабилизировать зерновую продуктивность. Путем гибридологического анализа установлено, что устойчивость пшеницы к возбудителю бурой ржавчины контролируется как доминантными, так и рецессивными генами при независимом, комплементарном, полимерном, аддитивном и эпистазном их действии и взаимодействии. С помощью различных генетических и биохимических подходов были сделаны попытки изучить ключевые гены, ответственные за устойчивость пшеницы к возбудителю бурой ржавчины (Vanzetti et al., 2011; Gupta et al., 2006). У пшеницы эти гены называются «Lr»-гены от английского Leaf rust – листовая ржавчина. Количество эффективных Lr-генов устойчивости к возбудителю бурой листовой ржавчины с каждым годом сокращается. Это связано с тем, что у патогена в результате половой гибридизации и других процессов появляются вирулентные биотипы и расы, способные преодолевать эту устойчивость. Необходим постоянный поиск таких генов. Такой подход является актуальным и значимым для селекции. В настоящее время идентифицировано более 60 различных генов устойчивости пшеницы к этому возбудителю, полученные из различных генотипов пшеницы и родственных видов (McIntosh et al., 2005). Средства молекулярной биологии последних лет привели к разработке ДНК-маркеров, которые связыва-

ясь с соответствующими генами устойчивости, являются мощным средством для идентификации гена. Молекулярные маркеры были определены для большинства генов устойчивости бурой листовой ржавчины (*Lr*1, *Lr*3, *Lr9*, *Lr*10, *Lr*13, *Lr*14a, *Lr*16, *Lr*19, *Lr*20, *Lr*21, *Lr*22, *Lr*24, *Lr*25, *Lr*26, *Lr*28, *Lr*29, *Lr*32, *Lr*34, *Lr*35, *Lr*37, *Lr*39, *Lr*46, *Lr*47, *Lr*50, *Lr*51, *Lr*52, *Lr*57, *Lr*58) (McIntosh et al, 2008). Данные работы ведутся с использованием RAPD, SSR, SCAR, STS и AFLP маркеров.

Одним из наиболее эффективных во всем мире, в настоящее время (Gupta et al., 2006) является ген устойчивости к бурой листовой ржавчине - Lr19, локализованный на хромосоме 7D. Этот ген впервые интрогрессировал в пшеницу Броудер (Browder, 1972) от *Agropyron elongatum* в 1972 году. Чужеродый ген Lr19 показал эффективность против всех патотипов листовой ржавчины в Южной Африке (Prins et al., 1997), в Индии (Tomar and Menon, 1998), в Европе (Mesterhazy et al., 2000) и Канаде (McCallum and Seto-Goh, 2003). Несмотря на вирулентность для гена Lr19, имеются сообщения, что в последние десятилетия оно показало высокую эффективность на посевных площадях пшеницы (Huerta-Espino and Singh, 1994; Sibikeev et al., 1996). Высокая эффективность гена Lr19 в Азии, Австралии и Европе указывает на то, что этот ген по всему миру может быть использован в сочетании с другими Lr генами для обеспечения длительного сопротивления против бурой ржавчины (Roelfs, 1988; Pink, 2002). Исходя из этого, целью данной работы являлось определение присутствия гена Lr19 в различных генотипах пшеницы с помощью SCAR маркеров.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Объектом исследования служил 61 генотип мягкой (*Triticum aestivum* L.) пшеницы, собранный в Генбанке Научно-исследовательского института земледелия. Растения были выращены в полевых условиях. Для скрининга были использованы SCAR маркеры.

Выделение растительной ДНК

Выделение ДНК проводили по СТАВ методу с некоторыми модификациями (10). Свежую растительную ткань в виде фрагмента листа измельчали в присутствии жидкого азота и суспендировали в 1000 мкл экстракционном буфере СТАВ (100 мМ Трис-HCl, pH 8,0; 20 мМ ЭДТА, pH 8,0; 1,4 мМ NaCl; 40 мМ β-меркаптоэтанол), предварительно согретого на водяной бане до 60^{o}C. Гомогенизацию заканчивали интенсивным встряхиванием на Vortex. Затем в каждую пробирку добавляли 400 мкл хлороформа (99,8 %) и пробирку аккуратно перемешивали. Далее пробирки помещали на водяную баню и инкубировали в течение 10 минут при 60^{o}C. После инкубации пробирки центрифугировали в настольной центрифуге типа Eppendorf (15000 g) 10 мин при комнатной температуре. После центрифугирования осторожно отбирали супернатант (следя за тем, чтобы не захватить частицы осадка) и переносили в чистые пробирки типа Eppendorf объемом 1,5 мл и добавляли 600 мкл холодного изопропанола, тщательно перемешивали и оставляли при комнатной температуре на 3-5 мин. На этой стадии можно наблюдать дисперсный осадок ДНК. Содержимое пробирок центрифугировали при комнатной температуре в настольной центрифуге типа Eppendorf (15000 g) в течение 10 мин. Осадок несколько раз промывали 70%-ным этанолом, подсушивали в термостате при 56^{o}C в течение 5 минут и растворяли в ТЕ буфере (10 мМ Трис-HCl, pH 8; 1 мМ ЭДТА). Для полного растворения ДНК в буфере образцы на ночь оставляли в холодильнике при 4^{o}C.

Определение количества ДНК

После растворения ДНК, количество было определено по оптической плотности (OD) при λ = 260 с помощью спектрофотометра ULTROSPEC 3300 PRO (“AMERSHAM”, США). Чистота геномной ДНК была определена по отношению поглощений A260/A280. Качество ДНК было проверено по работе образцов экстрагированных ДНК в 0,8% агарозном геле, окрашенном 10 мг/мл этидиумбромидом в 1×TBE (Tris base, Boric acid, EDTA) буфере. Гель был проявлен и сфотографирован в ультрафиолетовом свете с помощью «Gel Documentation System *UVITEK»* (СК).

Амплификация ДНК

Полимеразную цепную реакцию с RAPD маркерами проводили по методу Williams (11). Амплификацию ДНК проводили в реакционной смеси объемом 25 мкл, содержащей 10 x буфера, 20 нг геномной ДНК, 0,2 мкМ праймера, 200 мкМ каждого: dATP, dCTP, dGTP и dTTP, 2,5 мМ $MgCl_2$ и 0,2 единиц Taq-полимеразы в инкубационном буфере. Для проведения анализа использовали два SCAR праймера - SCS123 и SCS253 (Eurofins mwg operon) (Таблица 1). ПЦР проводили в амплификаторе «Applied Biosystems 2720 Thermal Cycler» (Сингапур) в следующих условиях: 1цикл – 3 мин при 94ºC; 38 циклов – 1 мин при 94 ºC, 1 мин при 60 и 63ºC (соответственно для SCS123 и SCS253), 2 мин 72ºC; заключительный цикл элонгации осуществляли при 72 °C в течение 10 мин, затем держали при 4°C.

Таблица1. Нуклеотидная последовательность SCAR праймеров, использованных для амплификации ДНК

Обозначение праймера	ген	Последовательность 5′→3′	Температура от-жига	Размер продукта
F: SCS123 R: SCS123	Lr19	CCTGATCACCAATGACGATT CCTGATCACCTTGCTACAGA	60	688
F: SCS253 R: SCS253	Lr19	GCTGGTTCCACAAAGCAAA GGCTGGTTCCTTAGATAGGTG	63	737

Продукты реакции разделяли путем электрофореза в 1,2 % агарозном геле в аппарате для проведения горизонтального электрофореза HR-2025-High Resolution («IBI SCIENTIFIC» США) с добавлением этидиумбромида и документировали с помощью «Gel Documentation System *UVITEK»*. Размеры амплифицированных фрагменов определяли относительно 1kb ДНК маркера. Статистический анализ включал составление бинарных матриц по каждому из праймеров, в которых отмечалось «присутствие» (1) или «отсутствие» (0) фрагменов с одинаковой молекулярной массой на электрофореграмме.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЯ

С помощью двух молекулярных SCAR маркеров, сцепленных с известным геном устойчивости к бурой листовой ржавчине Lr19, был проведен скрининг образцов ДНК пшеницы (*Triticum aestivum* L.) из Генбанка Научно-Исследовательского Института Земледелия Азербайджана. SCAR маркеры являются полиморфными и амплифицируют уникальные полосы, связанные с геном Lr19 (Gupta et el., 2006). Это дает возможность применять эти маркеры в маркер ассоциированных бридингах для гена Lr19.

На Рис.1 отражены профили ПЦР, проведенные с применением молекулярного маркера SCS123F/R (5′CCTGATCACCAATGACGATT3′/ 5′CCTGATCACCTTGCTACAGA3′). Этот маркер должен привести к амплификации фрагментов размером 688 bp. В результате ПЦР анализа с использованием этого праймера локус в области 688 bp выявляется только у 48 генотипов. Это составляет, приблизительно, 79%-ов от всех исследованных генотипов. У генотипов - Пиршахин-1, Pactole, 8th WWEERYT (32 №), 3 RBWYT (521№), 3 RBWYT (536 №), 11st IWWYT-R (9816 №), S5, 16th FAWWON-IR (90), 16th FAWWON-IR (47), S1, Нурлу-99, Гырмызыгюль-1, 12nd FAWWON №97 (130/21) фрагмент, сцепленный с маркером SCS123F/R, не синтезировался.

Вторым SCAR маркером, сцепленным с исследуемым нами геном устойчивости к бурой листовой ржавчине *Lr19,* являлся SCS253F/R (5′ GCTGGTTC CACAAAGCAAA 3′/ 5′ GGCTGGTTCCTTAGATA GGTG 3′). Продукты амплификации с применением этого маркера выявляются в области 737 bp. Как видно из рисунка 2, ожидаемый фрагмент в области 737 bp синтезировался только у 53 генотипов из 61, другими словами, приблизительно, у 87% от всех исследованных генотипов. У генотипов - 3 RBWYT (521 №), Зирве-80, Гырмызы гюль-1, S1, Азаматли-95, Тале-38, Рузи-84 и 12nd FAWWON №97 (130/21) не амплифицировались фрагменты, характерные для SCAR маркера SCS 253F/R.

Сравнительный анализ ПЦР-профилей, полученных с обоими SCAR маркерами, показывает (Таблица 2), что у 82% генотипов полученные результаты совпадают: у 45 генотипов как с маркером SCS123F/R, так и с маркером SCS253F/R идентифицировались характерные фрагменты амплификации, что указывает на то, что у этих генотипов на 7D хромосомах присутствует ген устойчивости к бурой листовой ржавчине Lr19. У 5 генотипов из использованных 61, существование гена Lr19 не было доказано, так как у этих генотипов не идентифицировались характерные фрагменты амплификации ни с одним из примененных маркеров.

Результаты, полученные с разными маркерами, не совпали у 18% генотипов. При применении маркера SCS123F/R не совпали 9 генотипов (Пиршахин-1, Pactole, 8th WWEERYT (32 №), 3 RBWYT (536 №), 11st IWWYT-R (9816 №), S5, 16th FAWWON-IR (90), 16th FAWWON-IR (47), Нурлу-99), т.е. у этих генотипов не синтезировались фрагменты в области 688 bp, характерные для маркера SCS123F/R, наоборот, амплифицировались фрагменты 737 bp, сцепленные с маркером SCS253F/R. При использовании же маркера SCS253F/R такое несовпадение выявлялось у 3 генотипов (Зирве-80, Азаматли-95, Рузи-84), другими словами, у этих генотипов отсутствовали продукты амплификации, характерные для маркера SCS253F/R, наоборот, успешно прошел синтез ПЦР-профилей, характерных для маркера SCS123F/R. Отсутствие маркерных компонентов с геном Lr19 у этих образцов может быть связано с неполным сцеплением маркера и гена (Тырышкин, 2006).

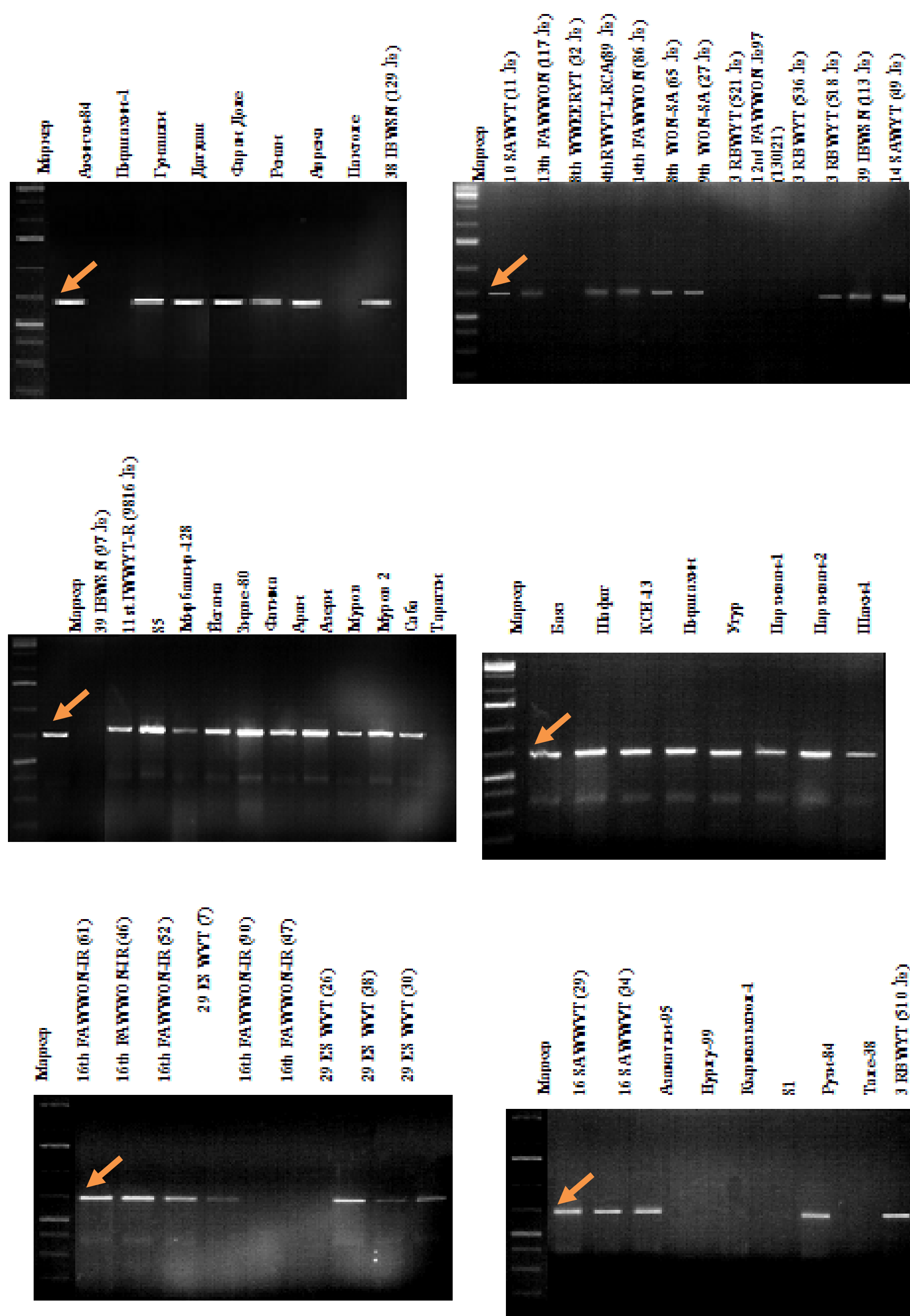


Рис 1. ПЦР - профили *Triticum aestivum* L. растений, индуцированные праймером SCS123F/R (5′CCTGATCACCAATGACGATT3′/ 5′CCTGATCACCTTGCTACAGA3′). Стрелка указывает зону 688 bp. M (маркер молекулярной массы) – 1 kb.

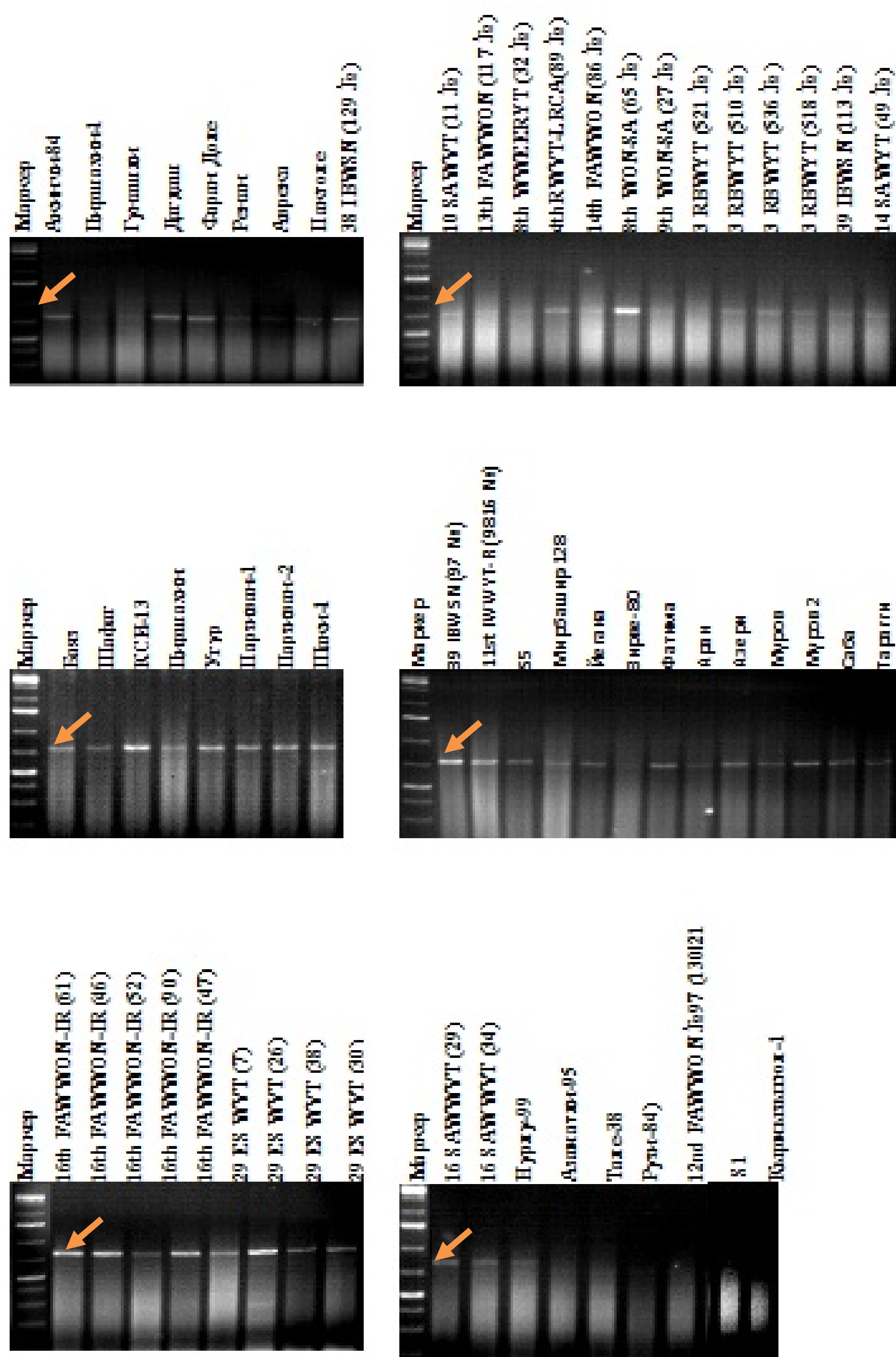


Рис 2. ПЦР - профили *Triticum aestivum* L. растений, индуцированные праймером SCS253F/R (5′GCTGGTTCCACAAAGCAAA3′/5′ GGCTGGTTCCTTAGATAGGTG3′). Стрелка указывает зону 737 bp. М (маркер молекулярной массы) – 1 kb.

Таблица 2. Результаты ПЦР анализов с использованием SCAR маркеров SCS123F/R и SCS253F/R .*

№	Генотипы	SCS123F/R	SCS253F/R
1.	Акинчи-84	+	+
2.	Пиршахин-1	-	+
3.	Гюнашли	+	+
4.	Дагдаш	+	+
5.	FARAN Dole	+	+
6.	Ренан	+	+
7.	Аврека	+	+
8.	Pactole	-	+
9.	38 IBWSN (129 №)	+	+
10.	10 SAWVT (11 №)	+	+
11.	13th FAWWON (117 №)	+	+
12.	8th WWEERYT (32 №)	-	+
13.	4th RWVT-LRCA (89 №)	+	+
14.	14th FAWWON (86 №)	+	+
15.	8th WON-SA (65 №)	+	+
16.	9th WON-SA (27 №)	+	+
17.	3 RBWYT (521 №)	-	-
18.	3 RBWYT (510 №)	+	+
19.	3 RBWYT (536 №)	-	+
20.	3 RBWYT (518 №)	+	+
21.	39 IBWSN (113 №)	+	+
22.	14 SAWYT (49 №)	+	+
23.	39 IBWSN (97 №)	-	+
24.	11st IWWYT-R (9816 №)	-	+
25.	S5	+	+
26.	Мирбашир-128	+	+
27.	Йегана	+	+
28.	Зирве-80	+	-
29.	Фатима	+	+
30.	Аран	+	+
31.	Азери	+	+
32.	Муров	+	+
33.	Муров-2	+	+
34.	Саба	+	+
35.	Тарагги	+	+
36.	Баяз	+	+
37.	Шафаг	+	+
38.	КСИ-13	+	+
39.	Пиршахин	+	+
40.	Угур	+	+
41.	Парзиван-1	+	+
42.	Парзиван-2	+	+
43.	Шаки-1	+	+
44.	16th FAWWON-IR (61)	+	+
45.	16th FAWWON-IR (46)	+	+
46.	16th FAWWON-IR (52)	+	+
47.	16th FAWWON-IR (90)	-	+
48.	16th FAWWON-IR (47)	-	+
49.	29 ES WVT (7)	+	+
50.	29 ES WVT (26)	+	+
51.	29 ES WVT (38)	+	+
52.	29 ES WVT (30)	+	+
53.	16 SAWWVT (29)	+	+
54.	16 SAWWVT (34)	+	+
55.	S1	-	-
56.	Нурлу-99	-	+
57.	Гырмызы гюль-1	-	-
58.	Азаматли-95	+	-
59.	Тале-38	+	-
60.	Рузи-84	+	-
61.	12nd FAWWON №97 (130/21)	-	-

***Примечание:** [+] – присутствие ожидаемого локуса, [-] – отсутствие этого локуса.

Обращает на себя внимание тот факт, что среди генотипов, у которых не были обнаружены продукты амплификации, при этом указывая на отсутствие гена Lr19, наблюдается как устойчивость, также высокая чувствительность к бурой листовой ржавчине. Генотип пшеницы Гырмызы гюль-1 в полевых условиях также показывает высокую восприимчивость к возбудителю бурой ржавчины и полностью поражается грибом *Puccinia recondite* f. sp. *tritici*. Генотипы под названием 3 RBWYT (521 №), S1 и Тале-38 на поле оцениваются как среднеустойчивые к этой болезни генотипы. Интересно, что генотип 12nd FAWWON №97 (130/21), на самом деле, показывает высокую устойчивость к этой вредоносной болезни, несмотря на отсутствие гена Lr19. Видимо, устойчивость этого генотипа обусловлена другими Lr-генами.

Данная работа требует продолжения этих исследований. Вместе с тем, изучаемый нами материал является ценным источником для селекции пшеницы на устойчивость к листовой ржавчине. Результаты работы могут быть использованы в селекционно-генетических программах по созданию форм, устойчивых к популяциям возбудителя бурой ржавчины в условиях Азербайджана. Таким образом, информация о существовании в адаптированных сортах эффективных Lr-генов, которые могут быть использованы в качестве доноров устойчивости, и использование этих генов само по себе или путем пирамидирования различных устойчивых генов в данном генотипе может значительно повысить эффективность бридинга устойчивых сортов (Mesterhazy et al., 2000), тем самым помогая избежать создания сортов, которые являются генетически однородными (Mebrate et al., 2008).

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

Тырышкин Л. Г. (2006) Генетический контроль эффективной ювенильной устойчивости коллекционных образцов пшеницы *Triticum aestivum* L. к бурой ржавчине **42 (3):** 377-384.

Browder, L.E. (1972) Designation of to genes for resistance to *Puccinia recondite* in *Triticum aestivum*. Crop Science, **12:** 705-706.

Gupta S.K., Charpe A., Prabhu K.V., Haque Q.M. (2006) Identification and validation of molecular markers linked to the leaf rust resistance gene *Lr19* in wheat Theor. Appl. Genet., **113 (6):** 1027-1036.

Huerta-Espino J., Singh R.P. (1994) First report of virulence for wheat leaf rust gene Lr19 in Mexico. Plant Dis., **78:**640.

Marasas C.N., Smale M., Singh R.P. (2003) The economic impact of productivity maintenance research: breeding for leaf rust resistance in modern wheat. Agricultural Economics, **29:** 253–263.

McCallum B.D., Seto-Goh P. (2003) Physiologic specialization of wheat leaf rust [*Puccinia triticina*] in Canada in 2000. Canadian Journal of Plant Pathology, **25:** 91-97.

McIntosh R.A., Yamazaki Y., Dubcovsky J., Rogers W. J., Morris C. F., Somers D. J. et al. (2008) Catalogue of gene symbols for wheat. Proceedings of the 11th International Wheat Genetics Symposium. Brisbane, Australia.

McIntosh R.A., Devos K.M., Dubcovsky J., Rogers W.J., Morris C.F., Appels R., Anderson O.A. (2005) Catalogue of gene symbols for wheat. Annu. Wheat News, **51:** 250-285.

McIntosh R.A., Wellings C.R., Park R.F. (1995) Wheat rusts: an atlas of resistance genes. (CSIRO Publications, Victoria)

Mebrate S.A., Oerke E.C., Dehne H.W., Pillen K. (2008) Mapping of the leaf rust resistance gene Lr38 on wheat chromosome arm 6DL using SSR markers. Euphytica, **162(3):** 457-466.

Mesterhazy A., Bartos P., Goyeau H., Niks R.E., Csosz M., Andersen O., Casulli F., Ittu M., Jones E., Manisterski J., Manninger K., Pasquini M., Rubiales D., Schachermayr G., Strzembicka A., Szunics L., Todorova M., Unger O., Vanco B., Vida G., Walther U. (2000) European Virulence Survey For Leaf Rust In Wheat. Agronomie, **20:** 793-804.

Murray M.G., Thompson W.F. (1980) Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. Nucleic Acids Res., **8:** 4321-4325.

Oelke L.M., Kolmer J.A. (2004) Characterization of leaf rust resistance in hard red spring wheat cultivars. Plant Disease, **88 (10):** 1127-1133.

Pink D. (2002) Strategies using genes for non-durable disease resistance. Euphytica **124:** 227-236.

Prins R., Marais G.F., Pretorius Z.A., Janse B.J.H., Marais A.S. (1997) A study of modified forms of the Lr19 translocation of common wheat. Theor. Appl. Genet., **95:** 424–430.

Roelfs A.P. (1988) Genetic control of phenotypes in wheat stem rust. Ann. Rev. Phytopathol., **26:** 351-367.

Sibikeev S.N., Kruprov V.A., Voronina S.A., Elesin V.A. (1996) First report of leaf rust pathotypes virulent on highly effective Lr-genes transferred from Agropyron species to bread wheat. Plant Breeding **115:** 276-278.

Singh R.P., Huerto-Espino J., Rajaram S. (2000)

Achieving near-immunity to leaf and stripe rusts in wheat by combining slow rusting resistance genes. Acta Phytopathologica et Entomologica Hungarica, **35:** 133-139.

Tomar S.M.S., Menon M.K. (1998) Adult plant response of nearisogenic lines and stocks of wheat carrying specific Lr genes against leaf rust. Indian Phytopathol., **51:** 61-67.

Vanzetti L.S., Campos P., Demichelis M., Lombardo L.A., Aurelia P.R., Vaschetto L.M., Bainotti C.T., Helguera M. (2011) Identification of leaf rust resistance genes in selected Argentinean bread wheat cultivars by gene postulation and molecular markers. Electronic Journal of Biotechnology, ISSN: 0717-3458, 1**4:** 3.

Williams J.G., Kubelik K.J., Livak J.A., Tingey S.V. (1990) DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful genetic markers. Nucleic Acids Res., **18:** 6531-6535.

Woxniak-Strzembicka A. (2003) Wirulencja populacji *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* w Polsce wlatach 1998–2001. Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roslin. **230:** 109–117.

İ.M. Hüseynova, F.B. Quliyeva, S.M. Rüstəmova, C.Ə. Əliyev

Buğda (*Triticum aestivum* L.) Genotiplərində Qonur Yarpaq Pasına Davamlılıq Geninin (Lr19) SCAR-Markerlərlə Təyini

Qonur yarpaq pasına davamlılıq geni Lr19 ilə assosiasiya təşkil edən SCAR markerlərdən istifadə etməklə Azərbaycan ET Əkinçilik İnstitutunun Genbankında toplanmış 61 yumşaq buğda sortunun skrininqi aparılmışdır. SCS123 markerinin tətbiqi ilə aparılan PZR nəticəsində 48 genotipdə 737 bp sahəsində lokus müşahidə edilir. SCS 253 markerindən istifadə zamanı 688 bp sahəsində gözlənilən fraqment yalnız 53 genotipdə müşahidə edilmişdir. Hər iki markerlə alınan nəticələr onu göstərir ki, 45 genotipin 7D xromosomlarında Lr19 geni mövcuddur. Tədqiq edilmiş 61 genotipdən yalnız 5-də Lr19 geninin mövcudluğu sübut olunmur.

I.M. Huseynova, F.B. Guliyeva, S.M. Rustamova, D.A. Aliyev

Determination of Leaf Rust Resistance Gene (Lr19) in Wheat (*Triticum aestivum* L.) Genotypes Гsing SCAR-markers

61 wheat genotypes (*Triticum aestivum* L.) from the Gene Pool of the Research Institute of Crop Husbandry (Azerbaijan) were screened using the SCAR-markers associated with leaf rust resistance gene Lr19. As a result of PCR analysis using marker SCS 123 locus of 737 bp was detected in 48 genotypes. Marker SCS 253 detected the expected locus of 688 bp only in 53 genotypes. The results obtained with both markers indicate that gene Lr19 presented on 7D chromosomes in 45 genotypes. The existence of Lr19 gene was not proved only in 5 wheat genotypes from the 61 used.